

PROVED  
BY  
DRAFTSMAN

O.G. FIG.  
CLASS 435 SUBCLASS 711

VOLUME 5 SECTION 10 DRAWING NO. 09/424482

1/6

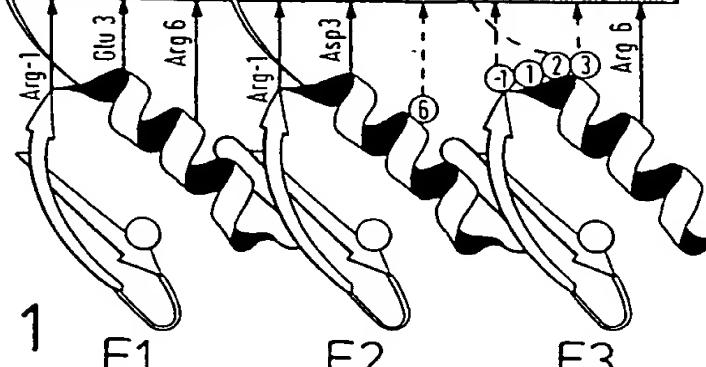
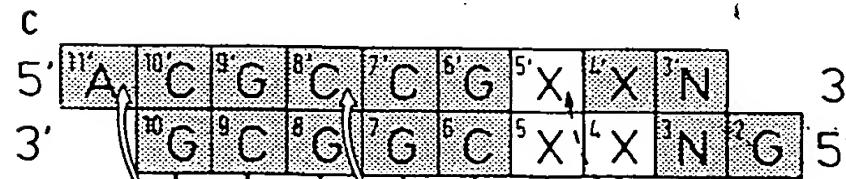
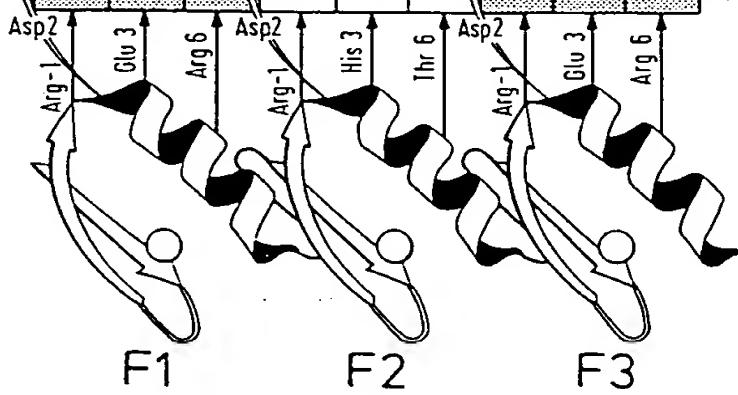
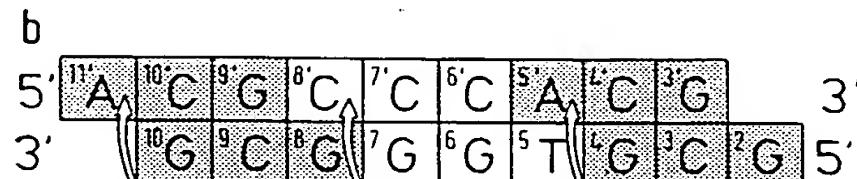
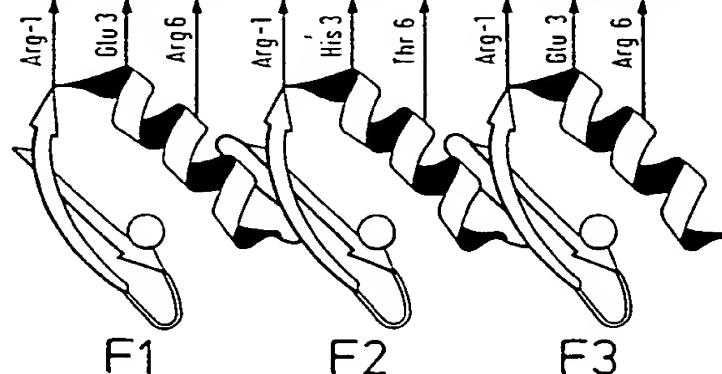
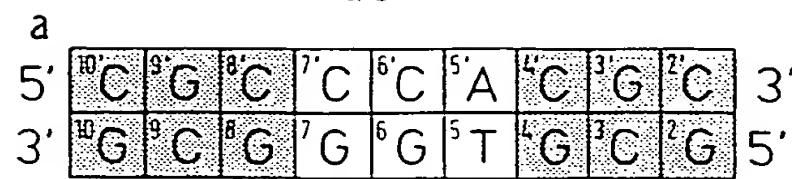


FIG. 1

09/424482

SERIAL NO. 5 181982 PCP TO

APPROVED	O.G. FIG. 5	
BY	CLASS	SUBCLASS
DRAFTSMAN	435	7.1

2/6

F1	M A E E R P Y A Q P V E S <u>C</u> D R R F S S R S D E L T R H I R I H	T G Q K P
F2	F Q Q R I - - C M R N F S S R S D D L T <u>Q</u> H I R T H	T G E K P
F3	F A Q D I - - C G R K F A <u>S</u> <u>D</u> R K R H T K I H	L R Q K D

$\beta$                $\alpha$  - helix

FIG. 2

ROVED  
BY  
TSMAHO.G. FIG. 0  
CLASS 435 SUBCLASS 7.1

REF ID: S6424422 09/42442

3/6

BASE AT POSITIONS <sup>4</sup> X AND <sup>5</sup> X OF DNA SITES USED IN SELECTIONS	AMINO ACIDS SELECTED IN FINGERS 2 AND 3		BINDING SITE SIGNATURE		No. OF CLONES SELECTED AND SCREENED	BASSES AT POSITIONS <sup>4</sup> X AND <sup>5</sup> X OF DNA SITES USED IN SELECTIONS		AMINO ACIDS SELECTED IN FINGERS 2 AND 3		BINDING SITE SIGNATURE		No. OF CLONES SELECTED AND SCREENED
	<sup>4</sup> X <sup>5</sup> X		F2	F3		<sup>4</sup> X <sup>5</sup> X		F2	F3	<sup>4</sup> X	<sup>5</sup> X	
	6	-1123	G A T C	G A T C		6	-1123	G A T C	G A T C			
GG	R	RLEY	■■■■■	■■■■■	4	CC	T	DPHN	■■■■■	■■■■■		1
	* R	RSED	■■■■■	■■■■■	4		E	HSKS	■■■■■	■■■■■		4
	R	RHTH	■■■■■	■■■■■	1		E	HRON	■■■■■	■■■■■		1
	R	RSSE	■■■■■	■■■■■	1		S	DRAN	■■■■■	■■■■■		1
	R	RSSA	■■■■■	■■■■■	1		T	DRAN	■■■■■	■■■■■		2
AG	R	QVTT	A	G	4	AC	* Y	RSQD	■■■■■	■■■■■	A	3
	* R	QSGD	■■■■■	■■■■■	5		V	QVGH	■■■■■	■■■■■		2
	R	QLAT	■■■■■	■■■■■	2		T	QLAT	■■■■■	■■■■■		3
	R	QDAH	■■■■■	■■■■■	1							
	R	QRAS	■■■■■	■■■■■	1							
	K	QSTS	■■■■■	■■■■■	1							
TG			T	G		TA	N	TSQA	■■■■■	■■■■■	T	4
	R	SSGD	■■■■■	■■■■■	1		N	TSAS	■■■■■	■■■■■		2
	R	SASA	■■■■■	■■■■■	1		K	LAQT	■■■■■	■■■■■		1
	* R	NSGD	■■■■■	■■■■■	1		* E	RSRD	■■■■■	■■■■■		3
	R	LVQN	■■■■■	■■■■■	1		E	RLRO	■■■■■	■■■■■		4
	K	TGAS	■■■■■	■■■■■	1		V	HLAT	■■■■■	■■■■■		1
	R	TPSG	■■■■■	■■■■■	1		V	HLTT	■■■■■	■■■■■		1
	R	TQTA	■■■■■	■■■■■	1		L	VGHH	■■■■■	■■■■■		1
	R	TSAA	■■■■■	■■■■■	1							
CG	R	DTSV	C	G	2	CA	Y	HPAT	■■■■■	■■■■■	C	2
	R	DAST	■■■■■	■■■■■	2		N	HPAN	■■■■■	■■■■■	A	1
	R	DASA	■■■■■	■■■■■	1		E	MHSN	■■■■■	■■■■■		9
	R	DTSS	■■■■■	■■■■■	2		L	DSRA	■■■■■	■■■■■		2
GC	A	RNHD	G	C	2	GT	* T	KSSD	■■■■■	■■■■■	G	2
	* N	RSTD	■■■■■	■■■■■	3		* K	SSSD	■■■■■	■■■■■	T	1
	* S	RSTD	■■■■■	■■■■■	6		* K	RSHD	■■■■■	■■■■■		1
	S	SRHS	■■■■■	■■■■■	1		A	RSSY	■■■■■	■■■■■		1
	T	RNST	■■■■■	■■■■■	1		T	RSSS	■■■■■	■■■■■		1
	T	RTST	■■■■■	■■■■■	1		T	RKTD	■■■■■	■■■■■		1
	T	TRYT	■■■■■	■■■■■	3							
	T	RAQN	■■■■■	■■■■■	1							
AC	A	QAAT	A	C	4	AT	S	QIST	■■■■■	■■■■■	A	3
	A	QGTN	■■■■■	■■■■■	1		S	QIGA	■■■■■	■■■■■		1
	* V	TSRD	■■■■■	■■■■■	4		T	QYST	■■■■■	■■■■■		1
	S	QRGA	■■■■■	■■■■■	1		T	QSAS	■■■■■	■■■■■		1
	S	QSTT	■■■■■	■■■■■	2		T	QSQH	■■■■■	■■■■■		1
	A	TSSS	■■■■■	■■■■■	1		T	QTSH	■■■■■	■■■■■		1
	T	SSST	■■■■■	■■■■■	1		T	QPGH	■■■■■	■■■■■		1
			T	C			K	QDTT	■■■■■	■■■■■		1
							K	QDST	■■■■■	■■■■■		2
TC	D	TISN	T	C	1	TT	T	TAST	■■■■■	■■■■■	T	1
	N	TSTA	■■■■■	■■■■■	1		T	TASH	■■■■■	■■■■■		1
	V	TSSL	■■■■■	■■■■■	4		T	TSSV	■■■■■	■■■■■		1
	V	TSSI	■■■■■	■■■■■	1		T	TSSA	■■■■■	■■■■■		1
	V	TSNS	■■■■■	■■■■■	3		S	HHTS	■■■■■	■■■■■		1
	* R	GSND	■■■■■	■■■■■	1		S	HAQT	■■■■■	■■■■■		1
	A	TTSS	■■■■■	■■■■■	1		S	HATT	■■■■■	■■■■■		4
	T	TAGS	■■■■■	■■■■■	1							
	S	TTSS	■■■■■	■■■■■	1							
	S	TSSA	■■■■■	■■■■■	1							
	S	LSTT	■■■■■	■■■■■	1							
	G	LSST	■■■■■	■■■■■	1							
			CT				K	DHSS	■■■■■	■■■■■	C	5
							T	HPST	■■■■■	■■■■■	T	1
							S	DSSR	■■■■■	■■■■■		1

RELATIVE SIGNATURE STRENGTH ■ \$1.00 ■■ 0.80 ■■■ 0.60 ■■■■ 0.40 ■■■■■ 0.20 ■■■■■■ 0.00

FIG. 3

APPROVED BY	O.G. FIG. 0
DRAFTSMAN	CLASS SUBCLASS 435 7.1

09/424482

REF ID: A629059

4/6

a

AMINO ACID SELECTED AT POSITION -1

BASE PRESENT AT POSITION 4 X IN BINDING SIGNATURES	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y
	G	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	16	2	2	0	0
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	21	1	1	1	0	0
T	0	0	0	0	0	1	7	0	0	4	0	1	0	2	5	3	21	1	0	0
C	0	0	10	0	0	0	7	0	0	2	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0

↓                    ↓                    ↓                    ↓                    ↓                    ↓

C                    T/C                    T                    A G(T)                    T

RECOGNITION PATTERNS

b

AMINO ACID SELECTED AT POSITION 6

BASE PRESENT AT POSITION 5 X IN BINDING SIGNATURES	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y
	G	0	0	0	0	0	0	0	4	1	0	0	0	0	0	21	0	0	0	0
A	0	0	0	3	0	0	0	0	1	2	0	3	0	0	0	0	2	3	0	2
T	1	0	0	0	0	1	0	0	5	0	0	0	0	0	0	10	17	3	0	0
C	5	0	1	3	0	1	0	0	0	0	0	3	0	0	2	12	14	6	0	0

↓                    ↓                    ↓                    ↓                    ↓                    ↓                    ↓

C                    A/C                    G/T                    A/C                    G                    T/C                    C(A/T)

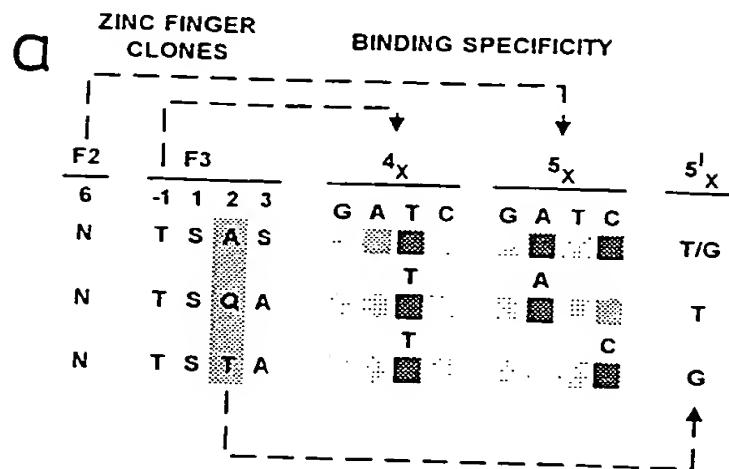
RECOGNITION PATTERNS

FIG. 4

APPROVED	O.G. FIG. o	
BY	CLASS	SUBCLASS
DRAFTSMAN	435	7-1

09/424482

5/6



b

AMINO ACID SELECTED AT POSITION 2	ZINC FINGER CLONES				CROSS-STRAND BINDING SPECIFICITY	No. OF CLONES SELECTED AND SCREENED		
	F2	F3						
	6	-1	1	2	3	5' X		
					G A T C			
E	R	R	L	E	Y	4		
	R	R	S	E	D	4		
N	V	T	S	N	S	3		
	R	G	S	N	D	1		
Q	Y	R	S	Q	D	3		
	NK	T	S	Q	DATN	4		
	T	L	A	Q	T	1		
	E	R	A	Q	NN	1		
	S	H	R	Q	N	1		
		H	A	Q	T	1		
R	L	D	S	R	A	2		
	E	R	S	R	D	3		
	E	R	L	R	D	4		
	V	T	S	R	D	4		
H	A	R	N	H	D	2		
	S	S	R	H	S	1		
	T	D	P	H	N	1		
K	E	H	S	K	S	4		

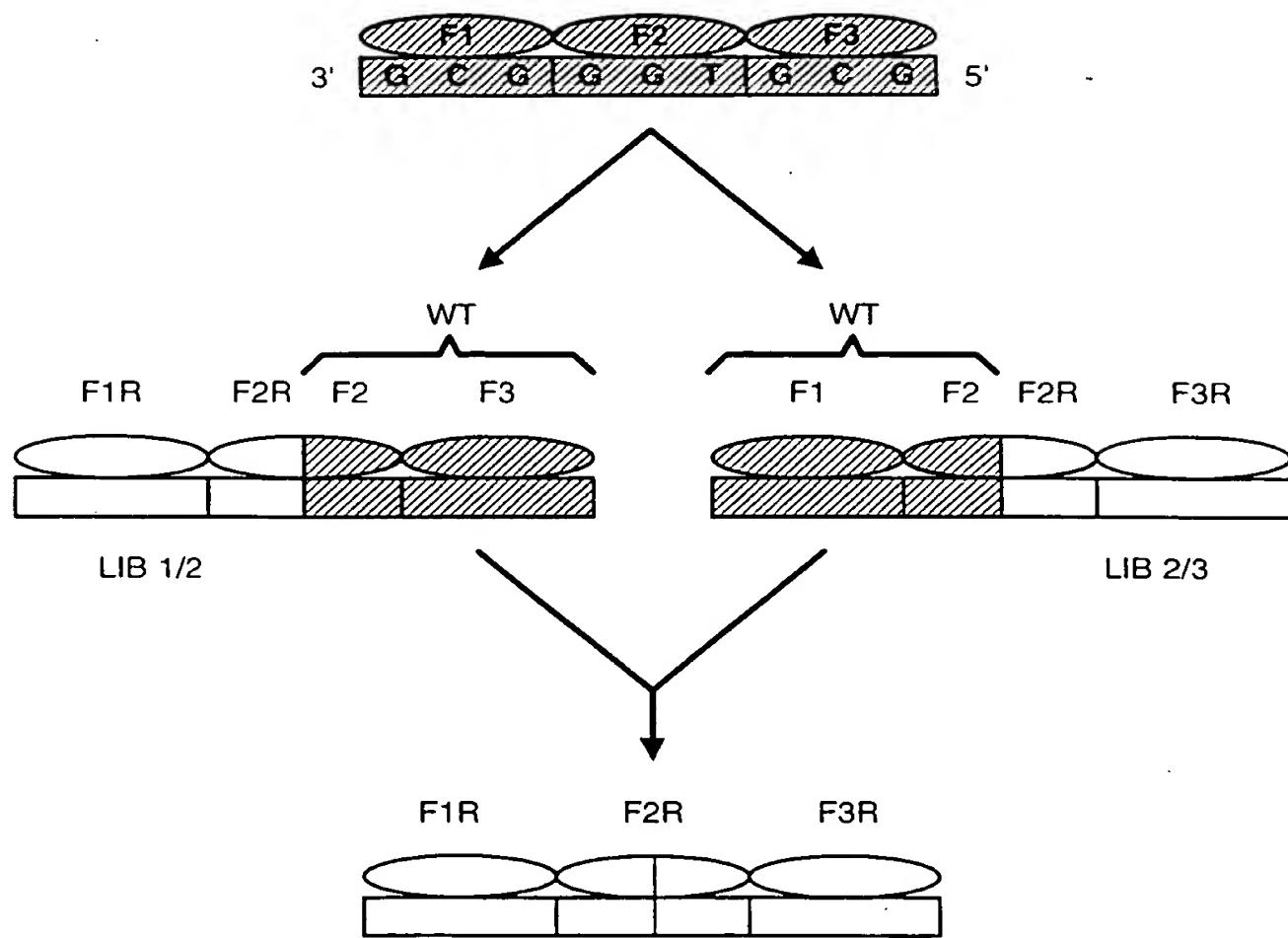
FIG. 5

APPROVED  
 BY  
 DRAFTSMAN

O.G. FIG. O	RECEIVED	22	09/10/2013
CLASS	SUBCLASS		
435	7.1		

09/424482

6 / 6



■ = wild type Zif268 sequence

R = randomised

FIG.6